FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
version 3.3t05 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAygaWej: 995 aa
>SEQ ID NO:2
vs  /tmp/fastaDAAzgaWej library
searching /tmp/fastaDAAzgaWej library

    1008 residues in     1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width:  16
 Scan time:  0.034                                              opt
The best scores are:
M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.  (1008) 2671

>>M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.1 HUM  (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980;  57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

```
              10        20        30        40        50
SEQ    MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
       ::::::::::::::::::  .: :::: :. :.:: ..  ..: .: :    .::
M13699 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
             10       20        30     .  40        50

              60        70        80        90       100       110
SEQ    GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
       .: : . ..:::::.::::.::. :::: :::::::::..:::::::.: .::: ::: :
M13699 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
            60        70        80        90       100       110

             120       130       140       150       160       170
SEQ    SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
       ..: ::.:: ::.:   :::::::: .:  . . ::.:::  . : :..:: ..:.::
M13699 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVYPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
            120       130       140       150       160       170

             180       190       200       210       220       230
SEQ    TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
       ::::::::::. .:.:::::::::..  ::.  .  . :: :::  .::...::. ::: ..:
M13699 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
            180       190       200       210       220       230

             240       250       260       270       280       290
SEQ    IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
       :.... .:  :.. .. :.:: :  :.::::::.:.:::::::::.:.:. :::.  .:.:
M13699 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
            240       250       260       270       280       290

             300       310       320       330       340       350
SEQ    PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
       ...:.: ::..: ...: ::: :::..: ::..:. :: ::::: .:. . .. ..:::::.
M13699 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
            300       310       320       330       340       350
```

```
            360       370       380       390       400       410
SEQ    NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
       .:.: :..  . : ::  ::::::..::.:::::::::..:::.:::: :: : .::::.. ::
M13699 ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
           360       370       380       390       400      410

            420       430           440       450       460
SEQ    IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
       :::.:::::.:::::::::: ..: :     ::::::::::. ::::..::...::  :::
M13699 IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
           420       430       440       450       460       470

           470       480         490  .    500       510       520
SEQ    QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
       .:  :...:::.: ::      .:  .::::.:  ::..: ::.: : :::.:::::..:: ::
M13699 EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
           480       490       500       510       520       530

           530       540       550       560       570       580
SEQ    TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
       .  .::::.   :::  .::.::.  ::..::   .:.:: :::::::::.  :.::::::..
M13699 AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
           540       550       560       570       580       590

           590       600       610       620       630       640
SEQ     N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
       : :   .:   :...:..::.:.:::::: ::: :  ::.:.:...:.:.  ::
M13699 NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
           600       610       620       630       640       650

           650       660       670       680       690       700
SEQ    HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
       ::::::::::.   : : :::     .:: :: :: : ::. ::.. ..:   :::::::. :
M13699 HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
           660       670       680       690       700       710

           710       720       730       740       750       760
SEQ    RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
       ::  . . ::.: .   ::: :.::::::::::::::::::::::::::::.. ...:.
M13699 NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
           720       730       740       750       760       770

           770       780       790       800       810       820
SEQ    LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
       .::::::::.:::: :.:: ...:  :.:: ::::  . :. ..:::::: :.:::::
M13699 IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
           780       790       800       810       820       830

           830       840       850       860       870       880
SEQ    HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
       ::::::.:..::.::.::: :::    .:.:.:.::::   :::: :::::.  .:::.::::.
M13699 HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
           840       850       860       870       880       890
```

```
           890            900       910       920       930
SEQ     GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
        ::: :::    : .::    .. .: :..:::::::::..:.:.::..:.::.:.....:
M13699  GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
           900            910       920       930       940       950


          940      950        960       970         980      990
SEQ     SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
        ::.::::::::.::: ::.:.:::: ::::::.:.::: ::::::::::::::.:::.
M13699  SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
           960      970        980       990      1000



995 residues in 1 query    sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:18:07 2002 done: Wed Sep 18 11:18:08 2002
 Scan time:  0.034 Display time:  1.433

Function used was FASTA
```